

Centre d'origine, mode de reproduction et migration chez *Magnaporthe oryzae*

D. Saleh^a, H. Adreit^a, J. Milazzo^a, V. Ravigné^a, J. Carlier^b, E. Fournier^c et D. Tharreau^a

^aCIRAD, UMR BGPI, TA A 54 K, 34398 Montpellier, France; ^bCIRAD-Bios, UMR BGPI, Campus international de Baillarg, 34398 Montpellier, France; ^cINRA, UMR BGPI, TA A 54 K, 34398 Montpellier, France
tharreau@cirad.fr

Le champignon pathogène du riz *Magnaporthe oryzae* a une distribution géographique très large puisqu'il est présent sur tous les continents et partout où son hôte est cultivé. Son cycle pathogène est asexué et la reproduction sexuée n'a jamais été observée directement dans la nature mais certaines souches gardent la capacité de se croiser en conditions contrôlées. La reproduction sexuée nécessite deux souches de signes de compatibilité sexuelle opposés. De plus, au moins une des deux souches doit être femelle-fertile, c'est à dire capable de différencier les périthèces, structures femelles où se déroule la méiose. La structure génétique des populations confirme un mode de reproduction asexué dans presque toute l'aire de répartition. Cependant, l'existence de la reproduction sexuée dans certaines populations du Piémont Himalayen a été proposée. L'analyse de la distribution des signes sexuels et de la fertilité femelle dans 54 pays, nous a permis de confirmer que cette zone est la meilleure candidate pour rechercher une reproduction sexuée contemporaine : les deux signes sont présents et la très grande majorité des souches femelle-fertiles (204/225) y est détectée. Nous avons donc étudié plus en détail quatre populations de cette zone pour déterminer si elles présentaient les caractéristiques de populations sexuées. Nous avons montré, par des approches biologiques, génétiques et de simulations, que la reproduction sexuée existe dans une population de Chine (Saleh et al., *Molecular Ecology* 2012). Plusieurs études ont montré une diversité génétique plus importante en Asie. Nous avons cherché à déterminer plus finement la structure génétique sur ce continent en comparant des populations de Chine, Laos, Thaïlande, Indonésie, et Népal. Nous avons mis en évidence quatre groupes génétiques différenciés et en partie indépendants de la géographie. Nous avons détecté deux centres de diversité (Népal et Sud de la Chine). Ces centres correspondent aux deux zones de domestications du riz. Considérant la reproduction sexuée comme un caractère ancestral, la colocalisation des centres de diversité et des zones de reproduction sexuée laisse supposer que l'un de ces centres est le centre d'origine des souches de *M. oryzae* pathogènes du riz. Par ailleurs, nous avons montré par des approches d'évolution expérimentale *in vitro* que la fertilité femelle pouvait être perdue très rapidement quand *M. oryzae* est soumis à un mode de reproduction strictement clonal (Saleh et al. *BMC Evolutionary Biology* 2012). L'ensemble de ces travaux permet de proposer un scénario de migrations de *M. oryzae* depuis le piémont Himalayen vers toutes les régions du monde où le riz est cultivé. Ces migrations ont été accompagnées par une perte systématique de la reproduction sexuée. Cette dernière a probablement été contre-sélectionnée car, dans un système cultivé, elle ne présentait pas d'avantage sélectif pour la migration, la multiplication ou la conservation de l'agent pathogène.